ژنتیک نوین
دوره چهارم، شماره ۳، پاییز ۱۳۸۸
صفحه۵۳-۴۵

بررسی تغییرات الگوی نواری زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا با استفاده از ارقام گندم دارای جایگزینی‌های کروموزومی

عباسعلی امام جمعه*[۱]، محمود سلوکی[۲]

۱و۲- اعضای هیئت علمی گروه زراعت واصلاح نباتات دانشکده کشاورزی
دانشگاه زابل
*نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی:

(تاریخ دریافت: - تاریخ پذیرش:)

چکیده

بذر گندم شامل پروتئین‌های گیلیادین و گلوتنین می‌باشد. گلوتنین‌ها شامل اجزاء با وزن مولکولی بالا است. در این پژوهش، پروتئین بذر ۲۷ لاین جایگزینی کروموزومی مربوط به ارقام کاپلا و شاین به همراه رقم کاپلای والد و نیز رقم چینی بهاره به عنوان شاهد استخراج شد. برای تفکیک زیرواحدهای گلوتنین، از روش SDS-PAGE استفاده شد. براساس رنگ‌آمیزی ژل با کوماسی بلو (۱۰ باند چندشکل)، دامنه ضرایب تشابه جاکارد بین لاین‌ها از ۰/۵۵ تا ۱ با میانگین ۰/۸۲ برآورد گردید. کمترین تشابه مربوط به شاین B٤ با کاپلا A۳ (یعنی۰/۵۵) بود. همه لاین‌های جایگزینی کاپلا کاملا مشابه با کاپلای والد بودند، اما ضریب تشابه کاپلا A۳ با کاپلای والدی برابر ۰/۷۳٦ بود. کاپلا A۳ با لاین‌های دیگر نیز دارای تشابه کمتری بود. براساس دندروگرام حاصل از ضریب تشابه جاکارد و روش UPGMA، لاین‌های مورد مطالعه و شاهد به ۳ دسته تقسیم شدند که کاپلا A۳ و شاین B٤ هر کدام در یک دسته مجزا و بقیه در دسته دیگر قرار گرفتند. در رنگ آمیزی با نیترات نقره (۸ باند چندشکل)، نیز دامنه ضریب تشابه جاکارد بین ۰/۷ تا ۱ با میانگین ۰/۷۹ بود. کمترین تشابه مربوط به کاپلا A۳ با کاپلا B٤ و شاین B۷ بود. براساس دندروگرام حاصل از این ضرایب، لاین‌های مورد مطالعه و شاهد به دو دسته تقسیم شدند که کاپلا A۳ در یک دسته مجزا قرار گرفت. دندروگرام رتبه دهی باندها، لاین‌ها و شاهد را به ۳ دسته تقسیم کرد که شاین A۷، شاین B٤ و کاپلا A۳ در یک گروه قرار گرفته بودند. به طور کلی در واریته کاپلا، کروموزوم جایگزین شده A۳ و در واریته شاین کروموزوم‌های A۷ و B٤ بیشترین تغییرات را در الگوی باندی داشتند.

واژه‌های کلیدی

**گندم،
جایگزینی کروموزومی،
زیرواحدهای با وزن مولکولی بالا،
رنگ آمیزی کوماسی بلو،
نیترات نقره**

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]

مقدمه

لاین‌های جایگزینی کروموزومی[1] حاصل جایگزینی یک جفت کروموزوم همولوگ مربوط به یک واریته در واریته دیگر (بدون تغییر در تعداد کروموزوم) می‌باشند (٤)، به همین دلیل این لاین‌ها مشابه لاین‌های معمولی می‌باشند و در تولید آنها از آنیوپلوئیدها (منوزومیک‌ها) و روش تلاقی برگشتی استفاده می‌شود به نحویکه باید برای تولید هر لاین باید یک پروژه چندساله تلاقی برگشتی انجام داد(۱۲).

لاین‌های مذکور بسیار مفید هستند، زیرا با استفاده از آنها می‌توان کلیه تفاوت‌های ژنتیکی موجود بین دو رقم را به کروموزوم‌های مربوطه نسبت داد. اگرچه زمان زیادی برای تولید لاین‌های جایگزینی کروموزومی صرف می‌شود ولی این لاین‌ها یکی از بهترین روش‌ها برای مطالعه صفات کمی در گندم می‌باشند (۴). از رگه‌های جایگزین بین واریته‌ای در تعیین محل کروموزومی ژن‌های مقاومت به تنش‌های محیطی استفاده زیادی شده است (۱۶).

آلل‌های مختلف هر ژن ممکن است پروتئین‌هایی با ترکیبات آمینواسیدی و یا اندازه‌های مختلف تولید کنند که این پروتئین‌ها به راحتی از طریق الکتروفورز روی ژل از یکدیگر جدا شده و شناسایی می‌شوند و در نتیجه بعنوان نشانگر ژنتیکی قابل استفاده خواهند بود (۷ و۱۲).

از آنجا که گندم یک گیاه پلی پلوئید است، سطوح آنیوپلوئیدی مختلف مثل منوزومیک، نولی زومیک و تری زومیک را تحمل می‌نمایند. بنابراین لاین‌های جایگزینی کروموزومی در ارقام مختلف گندم تولید شده است (۱۷).

هر رقم گندم دارای مجموعه منحصر به فردی از پلی پپتیدهای گلوتنین وگلیادین می‌باشد که مجموعاً گلوتن را تشکیل می‌دهند. این پروتئین‌ها روی کیفیت خمیر تاثیر می‌گذارند، بنابراین شناسایی آلل‌های پروتئین‌های ذخیره‌ای موثر بر روی خصوصیات خمیر برای بهبود ژنتیکی گندم ضروری است (۵و۷).

آلل‌های زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا دارای درجات کیفیتی متفاوت می‌باشند و شناسایی زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا به طور وسیعی در به نژادی گندم می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد. استفاده از پروتئین‌های ذخیره‌ای در گروه بزرگی از مطالعات نظیر شناسایی واریته‌ها، ارزیابی روابط فیلوژنتیکی، تشابه‌های ژنومی و ساختار ژنتیکی مواد ژرم پلاسم به خوبی گزارش شده است. اولین آزمایش کروموزومی در گندم با استفاده از لاین‌های مربوط به واریته‌های جایگزینی تاچر و هوپ در رقم چینی بهاره انجام شد. در این آزمایش مشاهده گردید که لاین‌های جایگزینی شده در برخی صفات مثل عملکرد، وزن دانه و ارتفاع با رقم چینی بهاره تفاوت دارند (۱۱).

دشتی و همکاران (۱۳۷۷) با استفاده از سری لاین‌های جایگزینی متقابل بین دو واریته شاین و ویچیتا برای تشخیص محل کروموزومی ژن‌های موثر در زمان خوشه رفتن، نشان دادند که این ژن‌ها روی کروموزوم‌های 3A، 3D و 1D ویچیتا و کروموزوم‌های 3A، 3D، 1D، 4D، 6A و 1B شاین قرار دارند و در واریته ویچیتا موجب تسریع در خوشه دهی (زود رسی) و در شاین موجب تأخیر در خوشه دهی (دیر رسی) می‌شوند (۳).

برای مطالعه ارزش نانوایی توسط برخی محققین از یک سری لاین جایگزینی استفاده گردید که در آنها کروموزوم‌های مربوط به کیفیت نانوایی خوب بزوستایا در یک رقم گندم فاقد کیفیت نانوایی مناسب جانشین گردیده بود. نتایج نشان دهنده اثرات مثبت و فوق العاده معنی‌دار کروموزوم‌های 1A، 1D و 6D بزوستایا بر روی حجم نان بود. لاین‌های جایگزینی مذکور با در اختیار داشتن آلل‌های مربوط به ذخیره پروتئین توجیه کننده ۷۵ درصد تفاوت در حجم نان دو رقم بودند (۵).

پاین و همکاران (۱۹۸۰) تحرک الکتروفورزی زیر واحدهای با وزن مولکولی بالای گلوتنین را در هفت واریته گندم نان به وسیله الکتروفورز ژل پلی اکریل آمید در حضور سدیم دو دسیل سولفات (SDS-PAGE) مورد مقایسه قرار دادند. در کل ۱۲ زیرواحد به طور واضح مشاهده شد که دارای وزن مولکولی بین ۹۵ هزار تا۱۴۰ هزار دالتون بودند. آنها محل کروموزومی ژن‌های سنتز کننده این زیر واحدها را بوسیله لاین‌های منوزومیک و لاین‌های جایگزین بین واریته‌ای مشخص کردند؛ همه زیرواحدها بوسیله گروه یک کروموزوم‌های همولوگ کنترل می‌شدند (۱۳).

[1]. Chromosomal Substitution Lines

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]

بحرایی و همکاران (۱۳۸۰) تنوع زیرواحدی گلوتنین‌های سنگین مربوط به مکان‌های ژنی Glu-1 را در ۴۳ لاین و رقم گندم‌های نان ایران با استفاده از روش SDS-PAGE مورد بررسی قرار دادند. در نهایت مجموعاً ۱۴ نوع آلل و ۲۱ ترکیب آللی در گندم‌های نان مورد مطالعه مشاهده شد (۲).

هدف ما از این پژوهش، بررسی تاثیر هر کدام از کروموزوم‌های گندم نانوایی در ارقام کاپلا و شاین بر روی الگوی پروتئینی زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش ۲۷ لاین جایگزینی کروموزومی متقابل ارقام کاپلا و شاین به همراه رقم کاپلای والد و نیز رقم چینی بهاره به عنوان شاهد مورد استفاده قرار گرفت (جدول ۱). در این جدول عدد و حرف مقابل نام هر لاین، نشاندهنده شماره کروموزوم جایگزین شده و نام ژنومی که جابجایی در آن صورت گرفته است، می‌باشد؛ مثلا لاین کاپلا 3A، یعنی رقم کاپلایی که کروموزوم 3A در آن جایگزین شده است. این لاین‌ها در یک انستیتوی تحقیقاتی در مجارستان تهیه گردیده‌اند. استخراج پروتئین با استفاده از روش لاملی و همکاران (۱۹۷۰) (۱۰) اصلاح شده توسط فولینگتون و همکاران (۲۰۰۶)صورت گرفت (۸) و سپس الکتروفورز ژل SDS-PAGEتک بعدی انجام گردید. ژل مورد استفاده دارای دو لایه یعنی لایه بالایی یا ژل متراکم کننده[2](٤٪) و لایه پایینی یا ژل تفکیک کننده[3] (۱۰٪) بود. جریان را روی آمپراژ ثابت ۱۸ میلی آمپر تنظیم گردید و سپس ژل برای رنگ‌آمیزی آماده گردید؛ به منظور مقایسه نتایج حاصل از رنگ‌آمیزی نیترات نقره و کوماسی بلو، این دو نوع رنگ‌آمیزی به صورت جداگانه انجام شد (۱۵).

برای نامگذاری باندها از روش ارائه شده توسط پاین و مقایسه پروفیل نمونه‌ها با رقم استاندارد چینی بهاره و الگوی مربوطه استفاده شد؛ سپس برای امتیازبندی کیفیت، جدول امتیاز دهی پاین مورد استفاده قرارگرفت (١٤).

تجزیه داده‌های الکتروفورزی بر اساس ضریب تشابه جاکارد هر یک از نوارهای الکتروفورزی به عنوان یک صفت در نظر گرفته شد و به حضور و عدم حضور نوارها به ترتیب اعداد یک و صفر اختصاص داده شد. سپس با استفاده از نرم افزار 2.02 NTSYSpcماتریس تشابه محاسبه و برای تجزیه خوشه‌ای از روش UPGMAاستفاده گردید. وزن مولکولی هر یک از باندها نیز با استفاده از فرمول رگرسیون نیمه لگاریتمی برای بررسی تنوع لاین‌ها محاسبه گردید (۵).

نتایج

۲۲ باند با مهاجرت نسبی متفاوت در روش رنگ‌آمیزی با کوماسی بلو تشخیص داده شد که از این تعداد ۱۰ عدد چندشکل بودند (شکل ۱). در این روش رنگ‌آمیزی، شاین 4B دارای کمترین تعداد باند (۱۷ باند)، کاپلا 3A دارای ۱۸ باند و مابقی لاین‌های مورد مطالعه ۱۹ باند داشتند. در روش رنگ‌آمیزی با نیترات نقره در کل ۲۰ باند با مهاجرت نسبی متفاوت تشخیص داده شد که از این تعداد ۸ عدد آنها چندشکل بودند. در این روش کاپلا3D، کاپلا 4D و شاین 1B دارای بیشترین تعداد باند (۱۹ باند) و لاین‌های کاپلا 3A، 7A، 1B، 4B و شاین 7B، 4D کمترین تعداد باند (۱۷ باند) و مابقی لاین‌ها دارای ۱۸ باند بودند.

برای اطلاع از وجود تفاوت‌های آماری در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از لحاظ نسبت باند دهی (باندهای چندشکل) و همچنین وجود تفاوت آماری در بین دو روش رنگ‌آمیزی از نظر تعداد باندهای مشاهده شده، تجزیه کای اسکویر برروی داده‌های حاصل از آزمایش انجام گردید و نتایج بدست آمده وجود تفاوت معنی‌دار را بین ارقام از لحاظ باند دهی در سطح ۵٪ نشان داد.

در روش رنگ‌آمیزی کوماسی بلو دامنه ضرایب تشابه جاکارد بین ۵۵/. تا ۱ با میانگین ۰/۸۲متغیر بود. کمترین ضریب تشابه ژنتیکی (۵۵/.) بین لاین‌های شاین 4B با کاپلا 3A و بالاترین ضریب تشابه (۱) بین تمامی لاین‌های جایگزینی کاپلا با کاپلا والد (شاهد) مشاهده شدو فقط ضریب تشابه کاپلا 3A با (شاهد) ۷۳٦/. بود. به طور کلی کاپلا 3A با لاین‌های دیگر نیز از ضریب تشابه کمتری برخوردار می‌باشد.

[2] . Resolving gel
[3] . Stacking gel

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]

در روش رنگ آمیزی نیترات نقره دامنه ضریب تشابه بین ۰/۷ تا ۱ متغیر بود و کمترین ضریب تشابه مربوط به کاپلا 3A با کاپلا 4B و شاین7B بود (شکل ۲).

ضریب همبستگی کوفنتیک بر اساس ضریب تشابه جاکارد و الگوریتم UPGMA در روش رنگ آمیزی با کوماسی بلو (۰/۹۹۲) و در روش رنگ آمیزی با نیترات نقره (۰/۹۷۹) بود (جدول ۲و ۳) که در هر دو روش رنگ آمیزی بالاترین ضریب کوفنتیک به دست آمد. ضریب کوفنتیک در هر دو روش رنگ آمیزی نشان دهنده کارایی مطلوب الگوریتم مورد استفاده است.

دندروگرام حاصل از روش رنگ آمیزی با کوماسی بلو، لاین‌های مورد مطالعه و شاهد را به ۳ گروه (شکل ۳) و در روش رنگ آمیزی با نیترات نقره به ۲ گروه تقسیم نمود (شکل ۴).

کلا ۷ زیر واحد مختلف HMW-GS بین لاین‌ها شناسایی شد که شامل زیرواحد $2^{\times}$ در مکان ژنی Glu-A1 و ۷، ۸+۷ و ۹+۷ در مکان ژنی Glu-B1 و ۱۰+۲،۱۲+۲ و۱۲+۳ در مکان ژنی Glu-D1 بود. در هر لاین ۲ تا ٤ زیر واحد مختلف وجود داشت. اکثر لاین‌ها دارای دو زیر واحد مختلف بودند به جز کاپلای 3A که ٤ زیر واحد داشت و شاین 7A و شاین 4B که دارای ۳ زیر واحد بودند (جدول٤).

طبق جدول ۴ فقط کاپلا 3A دارای بیشترین زیرواحد یعنی ۴ عدد و همچنین دارای زیرواحد $2^{\times}$ می‌باشد؛ درحالیکه بقیه لاین‌ها در مکان کروموزومی A زیرواحدی ندارند و در واقع نول هستند؛ همچنین فقط کاپلا 3A دارای زیرواحد ۱۲+۲ می‌باشد و سایر لاین‌ها به جای این زیرواحد، دارای زیرواحدهای ۱۲+۲ و یا ۱۲+۳ هستند. از آنجاییکه زیرواحدهای ۱۲+۲ و ۱۲+۳ اثر منفی در ارزش نانوایی دارند پس همه لاین‌ها و واریته شاهد مورد مطالعه دارای ارزش نانوایی بسیار کمی بودند و با توجه به اینکه زیرواحد $2^{\times}$ اثر مثبت در کیفیت نانوایی دارد پس کاپلا3A نسبت به بقیه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از ارزش نانوایی بهتری برخوردار بود.

جدول۱- لاین‌های مورد استفاده در تحقیق

رقم	ژنوتیپ	رقم	ژنوتیپ
۱	کاپلا 1A	۱٦	کاپلا 6D
۲	کاپلا 3A	۱۷	کاپلا 7D
۳	کاپلا 4A	۱۸	کاپلا والد
٤	کاپلا 5A	۱۹	چینی بهاره
٥	کاپلا 6B	۲۰	شاین1B
٦	کاپلا 7A	۲۱	شاین7B
۷	کاپلا 1B	۲۲	شاین2B
۸	کاپلا 3B	۲۳	شاین5B
۹	کاپلا 4B	۲٤	شاین7A
۱۰	کاپلا 5B	۲٥	شاین4D
۱۱	کاپلا 7B	۲٦	شاین3A
۱۲	کاپلا 2D	۲۷	شاین4B
۱۳	کاپلا 3D	۲۸	شاین6A
۱٤	کاپلا 4D	۲۹	شاین3D
۱٥	کاپلا 5D		

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]

جدول۲- مقدار ضریب همبستگی کوفنتیک (r) بدست آمده برای الگوریتم‌های مورد نظر در رنگ آمیزی کوماسی بلو

الگوریتم/ ضریب تشابه	UPGMA	SINGLE	WPGMA
J	۰/۹۹۲	۰/۹۸٦	۰/۹۸۳
DIC	۰/۹۸۸	۰/۹۸۲	۰/۹۷٦
SM	۰/۹۹۰	۰/۹۸۲	۰/۹۷۹

جدول۳- مقدار ضریب همبستگی کوفنتیک (r) بدست آمده برای الگوریتم‌های مورد نظر در رنگ آمیزی نیترات نقره

الگوریتم/ ضریب تشابه	UPGMA	SINGLE	WPGMA
J	۰/۹٦٦	۰/۹۷٦	۰/۹۷۹
DIC	۰/۹٦۷	۰/۹۷۵	۰/۹۷۸
SM	۰/۹۵۸	۰/۹۷۷	۰/۹۷۸

مقایسه زیرواحدهای موجود در کاپلا والد با زیرواحدهای لاین‌های جایگرینی این واریته نشان می‌دهد که زیرواحدهای مربوط به کاپلا 3A با بقیه متفاوت می‌باشد. کاپلا 3A دارای زیرواحدهای $2^{\times}$، ۹+۷ و ۱۰+۲ است در حالی که بقیه لاین‌های جایگزینی کاپلا و کاپلا والد زیر واحدهای مذکور را ندارد (جدول۴). بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که جابجایی کروموزوم 3A در کاپلا مسئول این تغییرات است و نیز به استثناء کروموزوم 3A، جابه جایی کروموزوم‌های دیگر در کاپلا باعث تغییر در آن نشده است. در واریته شاین نیز مقایسه زیرواحدهایHMW-GS نشان می‌دهد که شاین 7A و شاین 4B دارای زیرواحدهای ۹+۷ و ۱۲+۳ هستند در حالی که دیگر لاین‌های جایگزین شده واریته مذکور این زیرواحدها را ندارند. همچنین شاین 7B و شاین 4D دارای زیرواحد ۷ هستند؛ ولی دیگر لاین‌های جایگزین شده شاین این زیرواحد را ندارند. پس به طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که جایه جایی کروموزوم‌های 7B و4D باعث بوجود آمدن این زیرواحد (۷) شده‌اند و نیز جابه جایی کروموزوم‌های 7A و 4B دارای اثر مشترک (یعنی زیرواحدهای ۹+۷ و ۱۲+۳) هستند. زیرواحدهای HMW-GS همه لاین‌های جایگزین شده مورد مطالعه باکاپلا والد و رقم شاهد مقایسه شدند. نتیجه حاکی از یکسان بودن زیرواحدهای HMW-GS کاپلا والد و دیگر لاین‌های جایگزین شده این واریته (به استثناء کاپلا 3A) با رقم شاهد بود.

در این تحقیق امتیازات ارزش نانوایی بر اساس روش پاین و همکاران (۱۹۸۳) در لاین‌های مورد مطالعه تعیین گردید (۱۴)، که فقط کاپلا 3A از نظر ارزش نانوایی تقریباً جزء ارقام قوی به حساب می‌آید و لاین‌های دیگر و همچنین شاهد به استثنای شاین 7A و شاین 4B (به دلیل داشتن امتیاز ۸) جزء ارقام ضعیف محسوب می‌شوند (دارای امتیاز ۶-۴).

بحث

پاین و همکاران (۱۹۸۳) با مطالعه ۱۸۵ واریته گندم توسط SDS-PAGE موفق به شناسایی ۲۰ زیرواحد مختلف شدند به طوریکه هر واریته بین ۳ تا ۵ زیر واحد داشت. ما تعداد این زیرواحدها را در هر لاین برابر ۲ تا ۴ برآورد نمودیم. می‌توان گفت که ما تعداد این زیرواحدها را بعلت کوچکتر بودن اندازه نمونه، کمتر برآورد نموده‌ایم. آنها با استفاده از لاین‌های جایگرینی کروموزومی نشان دادند که زیرواحدهای مربوط به کروموزوم‌های گروه B بیشترین تنوع را دارد. در کل ۷ زیرواحد HMW-GS بین لاین‌ها شناسایی شد که هر لاین دارای ۲ تا ۴ زیرواحد مختلف بود (۱۴).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]

هین و همکاران(۱۹۹۴) با به کارگیری یک سری لاین جایگزینی کروموزومی از گندم شاین در رقم چینی بهاره مشخص کردند که کروموزوم‌های 1A، 1B، 1D و 7B بر کیفیت پخت اثر می‌گذارند. نتایج حاصل از مقایسه ارزش نانوایی لاین‌های مورد مطالعه نشان داد که فقط کروموزوم‌های 3A، 7A و 4B نقش مهمی در افزایش کیفیت نانوایی دارند (۹). این نتایج در تطابق کامل با نتایج ما در این پژوهش بود، چراکه ما نیز دریافتیم کروموزوم‌های 3A، 7A و 4B بر روی کیفیت نانوایی گندم اثر مثبتی را دارا می‌باشند که این امر به نوبه خود حاکی از وجود ژن‌های موثر در کیفیت نانوایی برروی این کروموزوم‌هاست که طبعا انتقال آنها می‌تواند مورد توجه قرار گیرد.

پاین و همکاران (۱۹۸۳) با مطالعه ساختار ژنتیکی زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا در لاین‌های جایگزینی بین واریته‌ای گندم نشان دادند که همه واریته‌های هگزاپلوئید به جز واریته بنهال دارای ۲ زیرواحد اصلی موجود برروی کروموزوم 1D بودند. این ژن‌ها از نظر ژنتیکی به شدت به هم پیوسته هستند به طوریکه تنها ۴ نوع الگوی باندی مشاهده شد (۱۳). آنها همچنین ژن‌های کنترل کننده گلوتن را به گروه کروموزم‌های همولوگ ۱ و ۶ محدود نمودند(۱۳).

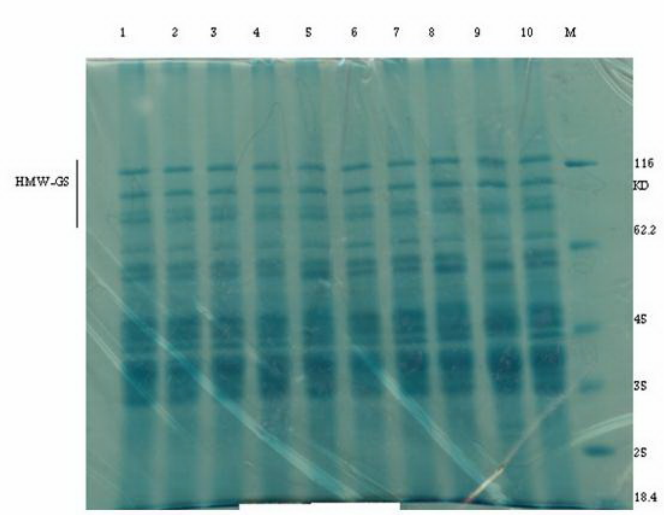
زمترا و موریس (۱۹۸۸) با استفاده از مطالعه جایگزینی کروموزوم 3B واریته شاین (دارای عادت رشد زمستانه) با همین کروموزوم در واریته ویچیتا نشان دادند که تفاوت بین ویچیتا و شاین در عادت رشد زمستانه مربوط به کروموزوم 3B می‌باشد (۱۷).

جدول۴- امتیاز دهی پاین برای زیرواحدهای HMW-GS در توده‌های مورد بررسی

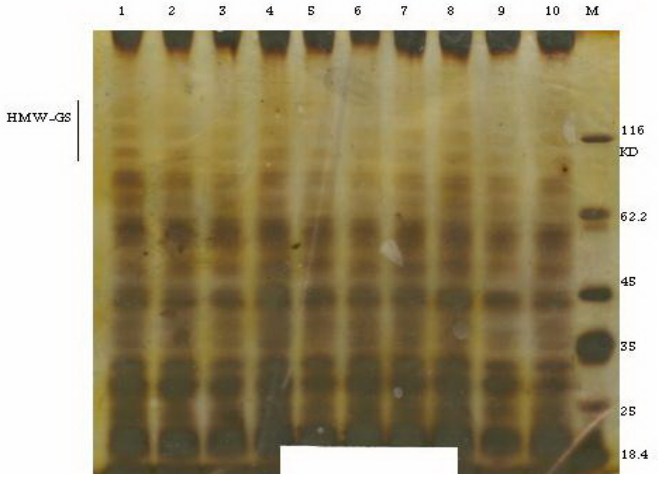
امتیاز	زیر واحد	لاین	امتیاز	زیر واحد	لاین
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا 6D	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا1A
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا 7D	۹	*۲ ، ۷+۸ ، ۲+۱۰ ، ۲+۱۲	کاپلا3A
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا والد	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا4A
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	چینی بهاره	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا5A
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	شاین 1B	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا6B
٤	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	شاین 7B	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا7A
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	شاین 2B	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا1B
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	شاین 5B	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا3B
۸	Null، ۷+۸ ، ۷+۹ ، ۳+۱۲	شاین 7A	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا4B
٤	Null ، ۷ ، ۲+۱۲	شاین 4D	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا5B
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	شاین 3A	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا7B
۸	Null، ۷+۸ ، ۷+۹ ، ۳+۱۲	شاین 4B	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا2D
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	شاین 6A	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا3D
٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	شاین 3D	٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا4D
			٦	Null ، ۷+۸ ، ۲+۱۲	کاپلا5D

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]

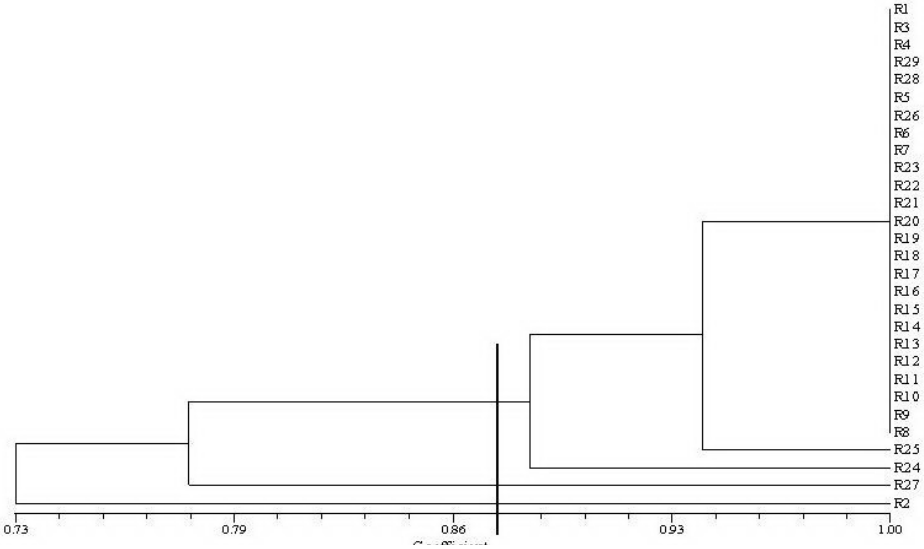
[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]



شکل ۱- نمونه‌ای از الگوهای باند دهی تولید شده با روش SDS-PAGE در روش رنگ آمیزی با کوماسی بلو (M مارکر مولکولی وزنی است)

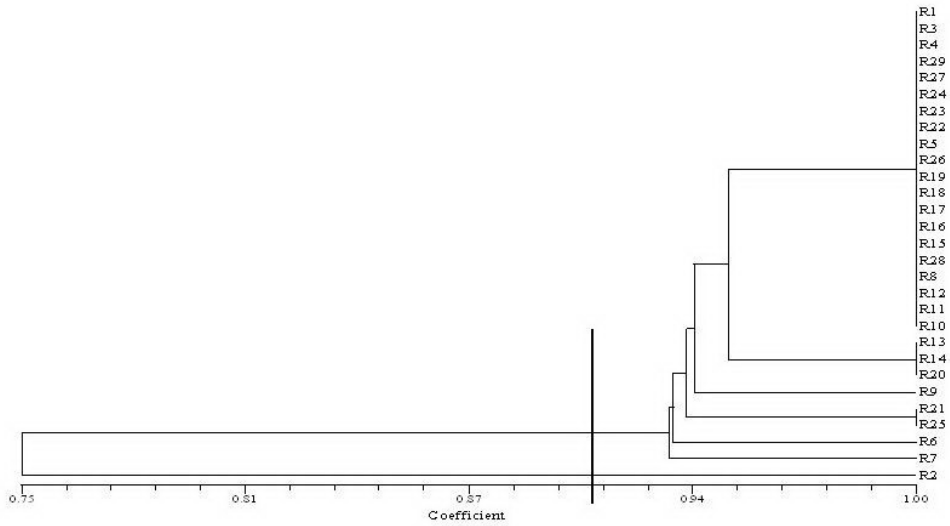


شکل ۲- نمونه‌ای از الگوهای باند دهی تولید شده با روش SDS-PAGE در روش رنگ آمیزی نیترات نقره (M مارکر مولکولی وزنی است)



شکل۳- دندروگرام حاصل از روش UPGMA بر اساس ضریب تشابه جاکارد در روش کوماسی بلو

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]



شکل ٤- دندروگرام حاصل از روشUPGMA بر اساس ضریب تشابه جاکارد در روش نیترات نقره

دنگ و همکاران (۲۰۰۵) با مطالعه HMW-GS لاین‌های تقریباً ایزوژنیک (Near Isogenic lines) به وسیله SDS-PAGE، اختلاف معنی داری در ترکیبات پروتئین دانه در میان لاین‌های تقریباً ایزوژن را نیافتند؛ آنها همچنین تأثیرزیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا را بر روی کیفیت پخت نان در لاین‌های پیشرفته گندم چینی بهاره بررسی کردند (۶).

باید به این نکته اشاره نمود که این برای اولین بار بود که پژوهش با استفاده از این لاین‌ها برروی کیفیت نانوایی گندم انجام گرفت و این لاین‌ها پیش از این برای بررسی محل کروموزومی ژن‌های مقاومت به سرما و خشکی در گندم استفاده شده بودند.

در پایان به سایر پژوهشگران پیشنهاد می‌گردد که از تکنیک‌های مناسبی مانند پروتئومیکس برای بررسی سایر اجزای پروتئینی مؤثر در کیفیت نانوایی گندم و از نشانگر مولکولی STS برای تعیین دقیق محل کروموزومی آلل‌های مؤثر در کیفیت نانوایی استفاده کنند. همچنین با موتاسیون‌زایی، در جهت بهبود آلل‌های نامطلوب موجود برروی کروموزوم‌های 7B و 4D تلاش شود و روش‌های کلاسیک و مدرن نیز برای انتقال آلل‌های مطلوب موجود برروی کروموزوم‌های 3A، 7A و 4D بکار گرفته شود. شناسایی SNPs [4] موثر بر کیفیت نانوایی با روش‌های نوین نیز می‌تواند راهگشای آینده در این زمینه باشد.

سپاسگزاری

بدینوسیله مراتب سپاس خود را از تلاش‌های آقای زین العابدین موسوی و همچنین خانم‌ها سمیه منتظری‌نژاد و زهرا طاهرنژاد (دانشجویان سابق گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه زابل) اعلام می‌داریم.

منابع

۱- ارزانی ا (۱۳۸۰) اصلاح گیاهان زراعی، انتشارات دانشگاه صنعتی اصفهان.

۲- بحرایی ص (۱۳۸۰) زیر واحد های گلوتنین سنگین در گندم های نان تحت کشت ایران، دومین همایش بیوتکنولوژی ایران- کرج.

۳- دشتی ح ، یزدی صمدی ب، و صرافی ا (۱۳۷۷) تعیین کروموزوم های حامل ژن های کنترل کننده تاریخ خوشه دهی با استفاده از رگه های جایگزینی کروموزومی متقابل در گندم زمستانه، مجله علوم کشاورزی ایران، ج۶۹، ش ۳ :۴۸۱-۴۷۷.

۴- عبد میشانی س، و شاه نجات بوشهری ع (۱۳۷۷) اصلاح نبات تکمیلی، جلد دوم، انشارات دانشگاه تهران.

۵- نورا ر(۱۳۸۳) بررسی تنوع ژنتیکی گندم های وحشی *Aegilops tiuncialis* ایران با استفاده از تکنیک

[4]. Single nucleotide polymorphisms

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]

الکتروفورز پروتئین های ذخیره ای دانـه، پایـان نامـه کارشناسـی ارشد اصلاح نبات، دانشگاه تهران.

6. Deng Z Y and Tian J C, Sun GX (2005) Influence of high molecular weight glutenin subunit substitution on rheological behaviour and bread baking quality of near-isogenic lines developed from Chinese wheats. Plant breeding, 124(5): 428-431

7. Flacte M E and Uhlen A (2003) Association between allelic variational combined Gli –1, Glu - 1 loci and protein quality common wheat (*Triticum aestivum*). Journal of Cereal science, 37: 129-137

8. Fulington J G and Cole E W, Kasarda D D (2006) Quantitative SDS-PAGE of total proteins from different wheat varieties. Journal of the science of food and agriculture, 31(1): 43-53

9. Hyne V and Kearsey M J, Martinez O, Gang W, Snape JW (1994) A partial genome assay for quantitative trait loci in wheat (*Triticum aestivum*) using different analytical techniques. Theoretical and applied genetics, 89(6):735-741

10. Laemmli UK (1970) Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of the bacteriophage T4. Nature (Landon), 227:680-685.

11. Lufiudra D and Benedetelli S (1985) Seed storage protein and wheat genetics one and two – bimensional (two – PH) polyacrylamide Gel Electropgoresis in a single Gel: separation of wheat protein. Cereal chemistry Journal, 62: 314 – 319

12. Lupton F G H (1988) Wheat breeding: Its scientific basis. Chapman & Hall, London, 566pp

13. Payne P I and Low C I, Mudd E E (1980) Control by homoelogous group 1 chromosomes of the high – molecular – weight subunit of glutenin a major protein of wheat endosperm. Theoretical and applied genetics, 58:113-120

14. Payne P I and Lawrence G j (1983) Catalogue of alleles for the complex genoloci, GluA1, GluB1, GluD1, Which code for high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. Cereal research community, 11: 29-35

15. Sambrook J and E F Fritsch, Maniatis T (1989) Molecular cloning: a laboratory manual. Cold spring harbor laboratory press, New York

16. Snap J W and Low C W (1985) Genetical analysis of chromosome 5A of wheat and its influence on important agronomic characters. Theoretical and applied genetics, 71(3):518-520

17. Zemetra R S and Morris R (1988) Effects of an intercultivaral chromosome substitution on winter hardiness and vernalization in wheat. Genetics. 119(2): 453 – 456

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1388.4.3.5.3]
[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-23]